

Braunschweigische
Wissenschaftliche Gesellschaft

Jahrbuch 2016

Sonderdruck
Seiten 199–200



J. CRAMER Verlag • Braunschweig
2017

Genetik metabolischer Resistenz*

OTTO RICHTER

Institut für Geoökologie der Technischen Universität Braunschweig
Langer Kamp 19c, D-38106 Braunschweig

Die langjährige Anwendung von Herbiziden hat bei vielen Pflanzenschutzmitteln zur Entwicklung resistenter Biotypen geführt. Dabei unterscheidet man zwei Resistenzmechanismen. Bei der Wirkortresistenz wird die Bindung des Herbizids an den Rezeptor inhibiert. Metabolische Resistenz beinhaltet die Fähigkeit eines Organismus, toxische Substanzen abzubauen, was zu einer Verschiebung von Dosis-Wirkungskurven führt. In diesem Beitrag wird die Dynamik des Zusammenspiels der Biosynthese der verzweigtkettigen Aminosäuren Isoleucin, Valin und Leucin mit dem Abbauweg für einen ALS Hemmer (Acetolactate Synthase (ALS, EC 4.2.1.16).) anhand eines mathematische Modelles in Form von nichtlinearen Differentialgleichungen untersucht. Die ALS Kinetik wird durch einen Monod Ansatz beschrieben. Das Modell liefert typische Dosis- Wirkungskurven und ihre Verschiebung in Abhängigkeit des Aktivitätsmusters des Abbauweges für den Inhibitor. Für den Fall, dass die Enzyme des Abbauweges in zwei Modifikationen vorkommen (poor or rapid metabolizer) wird ein genetisches Modell mit drei Loci für die Enzyme des Abbauweges aufgestellt. Damit ergeben sich 27 unterschiedliche Biotypen. Von dem metabolischen Modell werden für jeden Biotyp Resistenzfaktoren ermittelt. Diese werden in ein zeitdiskretes populationsgenetisches Modell für eine annuelle Unkrautart (Ungras) implementiert. Simulationen zeigen, dass die Entwicklung resistenter Biotypen durch die Anwendung von niedrigen Anwendungsmengen des Herbizids begünstigt wird. Das Aufkommen von Resistenzen kann durch Wirkstoffwechsel und Fruchtfolgen verzögert werden.

* Der Vortrag wurde am 10.06.2016 in der Klasse für Mathematik und Naturwissenschaften der Braunschweigischen Wissenschaftlichen Gesellschaft gehalten.

Literatur

O. RICHTER, D. LANGEMANN & R. BEFFA (2016): Genetics of metabolic resistance, *Mathematical Biosciences* **279**: 71–82

D. LANGEMANN , O. RICHTER & A. VOLLRATH (2013): Multi-gene-loci inheritance in resistance modeling, *Mathematical Biosciences* **242**: 17–24 .